

Résumé

La valeur génétique d'un clone dépend en grande partie de la valeur de la famille dont il est issu ; une bonne estimation de la composante individuelle implique une estimation des effets de l'environnement. La méthode dite des variables régionalisées (lissage) est utilisable dans les milieux très hétérogènes. Une sélection combinée sur index corrige également les variations dues à l'environnement et permet de classer tous les individus d'un essai sur la base d'une estimation de la valeur génétique.

Une sélection de têtes de clones efficace exige principalement le choix d'un bon dispositif expérimental, des observations fiables et une estimation des conditions expérimentales.

Un examen attentif des résultats et de la situation de l'arbre au champ est également nécessaire.

Abstract

The genetic value of a clone largely depends on the value of the family from which it came; a reliable estimation of the individual component requires an estimation of environmental effects. The so-called regionalized variable method (smoothing) can be used for highly heterogeneous environments. Combined index selection also corrects environmental variations and enables classification of all the individuals in a trial based on an estimation of their genetic value. Effective ortet selection primarily requires the right choice of experimental design, accurate observations and an estimation of experimental conditions. Close examination of the results and the position of a palm in the trial is also necessary.

Resumen

El valor genético de un clon depende en gran parte del valor de la familia de la cual oriunda; una buena estimación de la componente individual implica que se estimen los efectos del medio ambiente. Se puede utilizar el método llamado de las variables regionalizadas (alisadura) en medios muy heterogéneos. Una selección combinada sobre index corrige también las variaciones debidas al medio ambiente y permite que se clasifiquen todos los individuos de un ensayo con base en una estimación del valor genético. Una selección de cabezas de clones eficaz exige principalmente que se seleccione un buen dispositivo experimental, observaciones fiables y una estimación de las condiciones experimentales. También es preciso examinar atentamente los resultados y la situación de este árbol en el campo.

Palmier à huile : méthodes utilisées pour le choix des têtes de clones*

Baudouin L., Meunier J., Noiret J.M.

CIRAD-CP, BP 5035, 34032 Montpellier Cedex 1, France

Chez le palmier à huile, les variétés commerciales sont traditionnellement issues de croisements entre individus sélectionnés à l'issue de tests de descendance.

Contrairement à une pratique courante chez les plantes annuelles, la longueur du cycle de reproduction et la forte dépression de consanguinité existant chez le palmier interdisent la réalisation de lignées homozygotes. De ce fait, les descendance testées sont génétiquement hétérogènes. Les meilleures descendance dépassent la production moyenne de l'essai de 15 à 30 %. Mais certains arbres ont une production de 20 à 60 % supérieure à celle de leur famille. Il y a là une source de progrès considérable qui ne peut être exploitée que par la multiplication végétative. Celle-ci est possible *in vitro*, via l'embryogenèse somatique.

Parmi les stratégies envisagées pour la production de clones, la plus directe est le clonage d'arbres d'élite dans les tests de descendance. L'efficacité d'une telle stratégie repose essentiellement sur une bonne appréciation de la valeur génétique des candidats têtes de clones. Elle dépend de la qualité des observations et d'une bonne estimation des biais dus à l'environnement.

Des clones produits par embryogenèse somatique ont été plantés depuis dix ans. Ils ont fourni des indications importantes concernant la fiabilité du procédé (Durand-Gasselin *et al.*, 1993), la valeur des clones produits (Le Guen *et al.*, 1991) et

ont permis d'obtenir des estimations directes de l'héritabilité au sens large des principaux caractères liés à la production (Baudouin et Durand-Gasselin, 1991). La valeur de l'héritabilité (environ 0,4 pour la production de régimes, comme pour le taux d'extraction) permet d'attendre une bonne efficacité des choix individuels.

L'objet de cet article est de présenter une rapide revue des méthodes impliquées dans cette opération, en se référant plus particulièrement aux centres de recherches collaborant avec le CIRAD-CP. Depuis qu'elles ont été établies en 1981, ces méthodes ont évolué : certaines observations sont réalisées plus systématiquement, les méthodes statistiques simplifient l'établissement des seuils de sélection. Cependant, le principe reste le même : l'estimation du potentiel génétique d'un individu se base en premier lieu sur la valeur de son croisement d'origine, en second lieu sur un examen attentif des données individuelles.

Les dispositifs

Les tests de descendance sont plantés en blocs randomisés ou en lattice, avec généralement 6 répétitions de 10 à 12 arbres par parcelle élémentaire. Ces parcelles relativement petites conviennent pour tester un ensemble de croisements différant peu par leurs caractéristiques végétatives. Dans le cas contraire, la compétition entre descendance de développements dissemblables risque de créer un biais en faveur des plus vigoureux. Il faut alors prévoir des lignes de bordure. Un ou plusieurs témoins permettent de rattacher les résultats de l'essai à ceux obtenus par ailleurs.

*Communication présentée à l'*International Symposium on Recent Developments on Oil Palm Tissue Culture and Biotechnology*, 24-25 septembre 1993, Kuala Lumpur, Malaisie.

Les caractères recherchés

Les critères actuellement retenus pour le clonage sont :

- une production d'huile de palme élevée, avec à la fois une forte production de régimes et un fort taux d'extraction ;
- une faible croissance en hauteur et un encombrement réduit.

Production de régimes

Dans les tests de descendance, la production est observée individuellement, à chaque tour de récolte (environ 3 fois par mois). Le ou les régimes produits sont rassemblés au pied du palmier et pesés avec les fruits détachés. On inscrit le nombre et le poids total. Ces données sont additionnées mensuellement et informatisées. A la fin de chaque campagne annuelle, on totalise la production et le nombre de régimes produits par plant.

Qualité du régime

L'analyse du régime permet d'évaluer les différentes fractions qui le composent, et de là, sa teneur en huile. Son déroulement peut se résumer ainsi : pesée du ré-

gime ; effroutage puis pesée des fruits ; détermination du pourcentage de fruits par régime (F) ; pesée d'un échantillon de 30 fruits normaux ; dépulpage puis pesée des noix de cet échantillon, on en déduit le poids de pulpe et la teneur en pulpe (P) ; extraction de l'huile de pulpe par solvant sur un échantillon et détermination de la teneur en huile de la pulpe (H). On déduit le taux d'extraction industriel, estimé par :

$$HPI = 0,855 \times F \times P \times H.$$

Jusqu'à une période récente, la procédure normale d'échantillonnage pour l'analyse de régimes dans les tests de descendance était la suivante : on analysait 40 *tenera* par descendance, à cinq ans, puis à six ans.

Bien que cet échantillon soit suffisant pour estimer la valeur moyenne de la descendance, il ne permet pas d'avoir une estimation précoce de la valeur de tous les arbres, dans le cadre du choix de têtes de clones. On en tient compte aujourd'hui en analysant tous les *tenera*.

A partir de six ans, une série d'analyses supplémentaires est réalisée sur les

arbres les plus prometteurs : la moitié des arbres des 5 meilleurs croisements à sept ans, le quart à huit ans, le huitième à neuf ans. Ce système permet de disposer à neuf ans d'un nombre d'analyses suffisant pour le choix des individus potentiellement les plus aptes au clonage.

Croissance en hauteur

La hauteur est mesurée à l'aisselle de la feuille 33. Une bonne évaluation de la croissance en hauteur suppose deux mensurations, à six et neuf ans.

Tolérance à la fusariose

La tolérance à la fusariose est également un caractère très important, surtout pour les plantations en Afrique. Comme il est impossible de connaître la tolérance d'un individu donné, on sera obligé de tester les clones *a posteriori* par inoculation artificielle du champignon en pré-pépinière.

L'estimation de la valeur génétique individuelle

D'un individu donné, on ne connaît que le phénotype. Or la valeur réelle du clone qui en sera issu dépend de sa valeur génotypique. Afin d'approcher plus précisément cette valeur, on s'appuie en premier lieu sur celle du croisement dont il est issu. On s'efforce, de plus, d'identifier les facteurs environnementaux susceptibles de modifier sa production.

La valeur des croisements est estimée classiquement grâce à une analyse de variance adaptée au dispositif statistique de l'essai.

Il est rare qu'un champ soit parfaitement homogène. Les variations de la fertilité dans le champ se traduisent dans les différences entre blocs, et entre les parcelles élémentaires d'un même croisement. La prise en compte des données individuelles brutes risque de conduire à choisir préférentiellement les têtes de clones dans les parcelles les plus fertiles, abandonnant ainsi des génotypes intéressants, mais situés dans des zones peu fertiles. Deux méthodes permettent d'éviter ces erreurs.

La technique de lissage

Une première méthode, appelée technique de lissage a été proposée pour éliminer le biais dû à la fertilité (Baudouin *et al.*, 1987). Elle est basée sur la théorie dite des variables régionalisées. Si l'on examine la différence entre deux valeurs observées d'une variable soumise à un

La sélection combinée sur indice

La valeur observée d'un individu k appartenant à la descendance i , dans le bloc j et la parcelle ij peut s'écrire

$$Y_{ijk} = \underset{\substack{| \\ \text{moyenne générale}}}{M} + \underset{\substack{| \\ \text{effet descendance}}}{D_i} + \underset{\substack{| \\ \text{effet bloc}}}{B_j} + \underset{\substack{| \\ \text{effet parcelle}}}{P_{ij}} + \underset{\substack{| \\ \text{effet résiduel}}}{R_{ijk}}$$

Ces 5 composantes sont indépendantes et, sauf la moyenne, d'espérance nulle.

Prédire la valeur génétique d'un individu revient à calculer les coefficients de régression entre cette valeur et les différentes composantes D , B , P et R . On montre (Purba, 1992) que ces coefficients sont :

$$b_D = (CM_D - CM_P + \sigma^2_H) / CM_D$$

$$b_B = (\sigma^2_H) / CM_B$$

$$b_P = (\sigma^2_H) / CM_P$$

$$b_R = (\sigma^2_H) / CM_R$$

où CM_D , CM_B , CM_P , CM_R sont les carrés moyens de l'analyse de variance, attachés à chacune des composantes d'où σ^2_H est la variance génétique intra-croisement. Cette variance est estimée directement lorsque le dispositif statistique de l'essai le permet. Sinon on utilisera une estimation de l'héritabilité au sens large, indépendante (on remarquera que $h^2_b = b_R$).

Tableau 1. Analyse de variance du rendement en huile et calcul de l'indice de sélection

Analysis of the variance for oil yield and calculation of the selection index

Source	Somme des carrés	Degrés de liberté	Carré moyen	test F
Source	Sum of squares	Degrees of freedom	Mean square	F test
Descendance				
Progeny	36,88	24	1,537	3,29 ***
Bloc				
Block	4,16	5	0,832	1,78 NS
Interaction				
Interaction	56,14	120	0,468	1,55 ***
Erreur				
Error	235,52	781	0,302	

Valeur supposée du génotype du palmier ijk : / Expected genotypic value of palm ijk :

$$I_{ijk} = (1 - b_D - b_B + b_P) \cdot Y_{...} + (b_D - b_P) \cdot Y_{i..} + (b_B - b_P) \cdot Y_{.j.} + (b_P - b_R) \cdot Y_{ij.} + b_R \cdot Y_{ijk}$$

où / where $b_D = 0.7741$, $b_B = 0.1451$, $b_P = 0.2579$, $b_R = 0.4000$

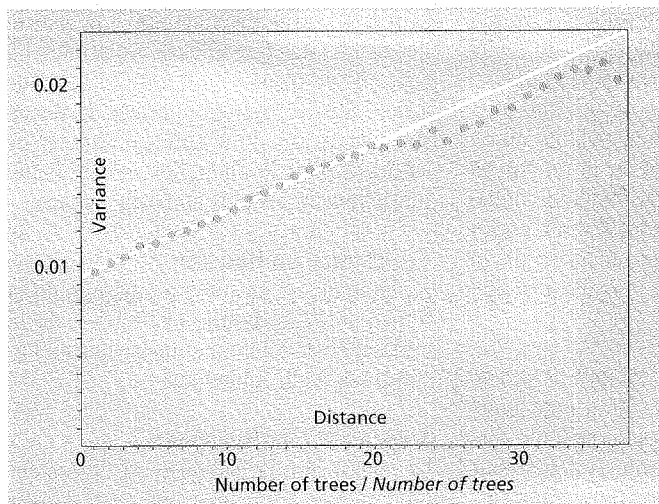


Figure 1. Demi-variogramme de la variable poids total de régimes.
Essai AK-GP 03
Semi-variogram for variable FFB.
Trial AK-GP 03

effet régional (gradient de fertilité, par exemple) en deux points situés à une distance d , on peut considérer cette valeur comme une variable aléatoire d'espérance nulle et de variance $V(d)$. Cette fonction de la distance s'appelle demi-variogramme de la variable régionalisée.

Le demi-variogramme de la production d'huile d'un essai (AK-GP 03) est représenté figure 1. On peut ainsi distinguer les différentes composantes de la variabilité spatiale dans l'essai :

- une composante aléatoire (c'est-à-dire indépendante du lieu), qui correspond à l'ordonnée à l'origine ;
- une composante régionalisée, dénotant l'existence de corrélations entre voisins.

Le calcul de ces deux composantes permet d'estimer la valeur moyenne de l'effet environnement en chaque point de la parcelle. Cette valeur permet de corriger les valeurs observées et d'éliminer l'influence des fluctuations de la fertilité.

La sélection combinée sur indice

Dans la seconde méthode, dite sélection combinée sur indice, l'analyse de variance arbre par arbre permet de décomposer la valeur de chaque individu en 5 composantes observées : la moyenne générale de l'essai, un effet lié à la descendance à laquelle appartient l'individu, l'effet du bloc où il est situé, celui de la parcelle dans laquelle il se trouve et un

effet résiduel dû à l'arbre lui-même et aux variations non contrôlées dans la parcelle. A partir de ces composantes, on peut facilement prédire la valeur génétique de chaque individu (encadré). Cette méthode permet d'estimer simplement la valeur génétique d'un arbre dans un essai. Elle tient compte des fluctuations de l'environnement, quoique de manière moins fine que le lissage. Son intérêt est de permettre l'établissement d'un classement unique de tous les arbres d'un essai.

Application

Pour illustrer cette dernière approche, nous l'avons utilisée sur un essai de Côte-d'Ivoire. Tous les arbres n'ayant pas subi d'analyse de régime, 933 arbres sur les 1500 que compte l'essai ont été pris en compte. Toutes les parcelles élémentaires sont représentées, avec un effectif inégal. Pour tenir compte du léger déséquilibre introduit dans le modèle, on a utilisé une procédure d'analyse de variance adaptée. On a vérifié sur d'autres caractères, notamment la production de régime, que les carrés moyens calculés avec 933 ou 1500 arbres sont pratiquement identiques. Le dispositif génétique ne permet pas une estimation directe de l'héritabilité au sens large, cependant, des estimations réalisées à partir de clones ont conduit à une valeur voisine de 0,4. Cette valeur est compatible avec le rapport variance inter-croisement/variance intra-croisement de l'essai en admettant qu'une part importante de la variabilité de la production d'huile est due à la dominance (Jacquemard *et al.*, 1982).

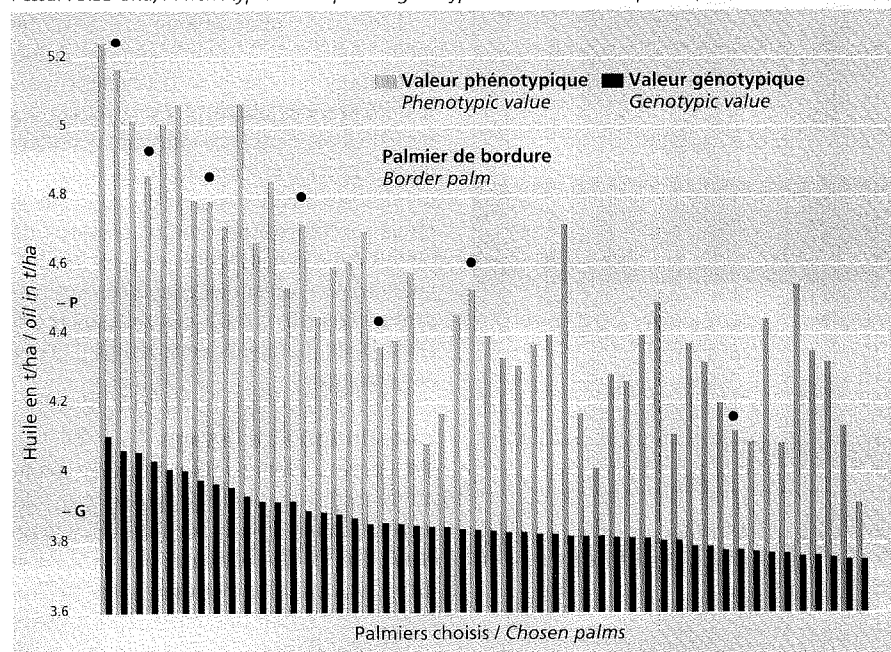
Le tableau d'analyse de variance et les coefficients de l'indice de sélection figurent au tableau 1. Le terme constant est choisi de manière à centrer la valeur de l'indice sur la moyenne de l'essai. Ainsi, l'indice est également une estimation du potentiel de production d'huile du clone qu'on peut obtenir à partir d'un individu donné.

La comparaison entre les valeurs phénotypiques et génotypiques des 50 meilleurs individus de l'essai sur la base de l'index est présentée figure 2.

Effet de l'environnement

Les arbres retenus sont distribués d'une façon équitable entre les blocs : entre 8 et 10 par bloc, sauf pour le 6^e qui n'en a que 4. Cet écart n'est pas significatif au sens du χ^2 . Dans la mesure où l'effet bloc est non significatif, ceci est attendu.

Figure 2. Valeurs phénotypiques et valeurs génotypiques attendues d'individus choisis (moyenne de l'essai : 3.33 t/ha) / Phenotypic and expected genotypic values of chosen palms (trial mean: 3.33 t/ha)



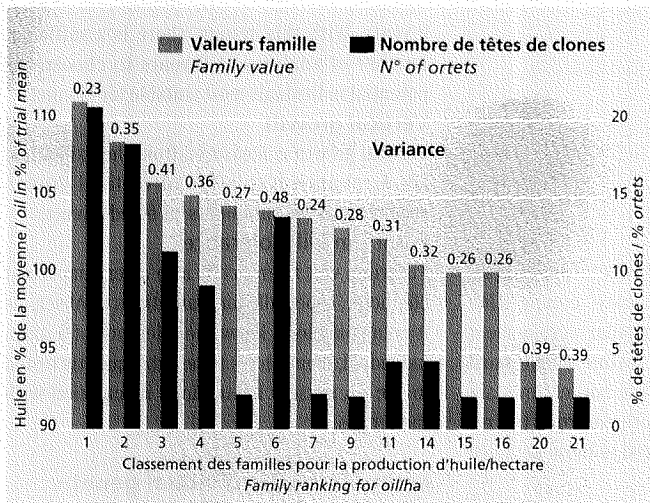


Figure 3.

Distribution par famille des palmiers choisis dans un essai
Distribution of chosen palms among families in a trial

En revanche, 7 arbres retenus sont situés en bordure : ils n'ont que 5 voisins. Sur les 933 arbres étudiés, 39 sont dans ce cas (4,18 %). Le nombre attendu d'arbres de bordure parmi les arbres retenus est donc 2. Cet écart significatif ($\chi^2 = 10,7$ à 1 ddl) illustre l'importance considérable que revêtent les conditions de développement de la plante. Sur l'ensemble des arbres étudiés, les arbres de bordure ont une production supérieure de 12,5 % par rapport aux autres. Ce gain est dû à l'absence d'un arbre dans le voisinage. Si l'on tient compte de cet avantage dû à leur position, on est conduit à rejeter tous les arbres de bordure dans cet essai.

Effet du croisement

Comme on peut s'y attendre, 33 des arbres retenus appartiennent aux 6 meilleurs croisements (figure 3). Toutefois 10 autres, soit 23 %, appartiennent à des croisements moins bien classés. En effet, la répartition des arbres choisis tient compte à la fois de la moyenne et de la variance des croisements. Ceci explique que les croisements 2, 6 et 20 soient bien représentés relativement à leur classement. A l'inverse, 1, 5 et 7 figurent parmi les croisements les moins variables et sont sous-représentés.

L'intérêt de la multiplication clonale est d'autoriser une double pression de sélection. Ainsi, on pourra dans un premier temps envisager la diffusion commerciale des 10 meilleurs clones sur leur valeur estimée, réalisant ainsi un progrès de 12 % par rapport à la moyenne des 5 meilleurs croisements. Dans le même temps, les autres clones pourront être testés en champ et diffusés après vérification de leur valeur propre.

Conclusion

Une procédure efficace de choix de têtes de clones repose en premier lieu sur l'utilisation d'un dispositif expérimental adapté et d'observations fiables et contrôlées. Une évaluation précise de la valeur individuelle des arbres suppose l'utilisation de techniques appropriées d'évaluation des effets de l'environnement. Dans les terrains les plus hétérogènes, une technique de lissage sera sans doute la plus performante. Lorsqu'on pourra considérer les parcelles comme relativement homogènes, la construction d'un index de sélection présente plusieurs avantages ; elle est simple à réaliser, elle permet d'établir un seul classement pour tous les arbres d'un essai, en tenant compte à la fois de la valeur individuelle, de celle de la famille et des effets environnementaux détectables au niveau de la parcelle élémentaire. Une telle approche n'est d'ailleurs pas incompatible avec la sélection multicaractère recommandée par Soh (1986).

L'utilisation de techniques statistiques performantes ne dispense pas d'une analyse critique attentive des résultats. Ainsi, on préférera des individus dont la production est à la fois précoce et stable. On s'interrogera sur les facteurs responsables de la bonne production d'un individu : s'agit-il d'un caractère peu héritable tel que le pourcentage de fruits sur régimes, ou bien peut-elle être expliquée par des effets de voisinage ? A cet égard, la croissance en hauteur est un élément essentiel. Un arbre qui croît plus vite que ses voisins sera probablement surévalué. D'autre part, un arbre compact aura un bon facteur de conversion des assimilats en huile, et une longue durée de vie économique.

Tous ces éléments devraient être pris en compte pour le choix des arbres à clones. Bien entendu, par la suite, les clones produits seront testés en champs pour connaître leur valeur réelle, ce qui permet aussi de vérifier *a posteriori* le bien fondé des méthodes de sélection mises en œuvre.

Bibliographie / References

- DURAND-GASSELIN T., DUVAL Y., BAUDOUIN L., MANHERAN A.B., KONAN K., NOIRET J.M. (1993) Description and degree of the mantled flowering abnormality in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) clones produced using the ORSTOM-CIRAD procedure. In : *International Symposium on Recent Development in Oil Palm Tissue Culture and Biotechnology*, Kuala Lumpur, 24-25th September 1993, 24 p.
- LE GUEN V., SAMARITAN G., ZARIN OTHMAN A., CHIN C.W., KONAN K., DURAND-GASSELIN T. (1991) Production d'huile au jeune âge de clones de palmier à huile. *Oléagineux* **46** (10) : 347-359.
- BAUDOUIN L., DURAND-GASSELIN T. (1991) Transmission génétique par voie clonale des caractères liés à la production d'huile chez le palmier à huile. *Oléagineux* **46** (8-9) : 313-319.
- BAUDOUIN L., ASMADY, NOIRET J.M. (1987) Importance des facteurs de l'environnement dans le choix des têtes de clones chez le palmier à huile. *Oléagineux* **42** (7) : 267-269.
- JACQUEMARD J.C., MEUNIER J., BONNOT F. (1982) Genetic study of the reproduction of an *Elaeis guineensis* oil palm cross. In : *The oil palm in agriculture in the eighties*, Pushparajah E. & Chen Poh Soon Eds, Incorporated Society of Planters (Kuala Lumpur), p.19-32.
- PURBA A.R. (1991) Contribution à l'étude de l'amélioration clonale du palmier à huile (*Elaeis guineensis* Jacq.). CES Agronomie, ENSA, Montpellier, 32 p.
- SOH A.C. (1986) Expected yield increase with selected oil palm clones from current D x P seedling materials with its implications on clonal propagation, breeding and ortet selection. *Oléagineux* **41** (2) : 51-56.

Oil palm: methods used for choosing ortets

Baudouin L., Meunier J., Noiret J.M.

CIRAD-CP, BP 5035, 34032 Montpellier Cedex 1, France

Commercial oil palm varieties are conventionally obtained from crosses between individuals selected after progeny tests.

Unlike a common practice with annual plants, it is impossible to produce homozygous families, because of the length of the oil palm reproduction cycle and strong inbreeding depression. Hence, the progenies tested are genetically heterogeneous. The best progenies obtained from crosses in trials exceed the mean yields of the trial by 15 to 30%, but certain palms produce 20 to 60% more than their family. There is therefore a considerable source of progress, which can only be used through vegetative propagation. This is possible in vitro, through somatic embryogenesis.

Among the strategies considered for clone production, the most direct way is to clone the elite trees identified in progeny tests. The effectiveness of such a strategy relies on a correct assessment of the genetic value of potential ortets. This depends on observation quality and an effective assessment of environmental bias.

Clones produced by somatic embryogenesis have been planted in trials for 10 years. They have provided considerable information on the reliability of the process (Durand-Gasselin *et al.*, 1993), the value of the clones produced (Le Guen *et al.*, 1991) and have enabled direct estimates to be made of the broad sense heritability of the main characters linked to production (Baudouin and Durand-Gasselin, 1991). Given their value (around 0.4 for bunch production, as for the extraction rate) individual choices can be expected to be reliable.

This paper takes a brief look at the methods involved in this operation, referring in particular to the research centres working with CIRAD-CP. These methods have evolved since they were drawn up in 1981: some observations are carried out more systematically, statistical methods simplify the definition of selection thresholds. Nevertheless, the principle remains unchanged: estimation of the genetic potential of an individual is based first and foremost on the value of its original cross, then on careful examination of individual data.

Planting designs

The progeny tests are planted in Fisher blocks or lattice designs, usually with 6 replicates and 10 to 12 palms per elementary plot. These relatively small plots are suitable for testing a set of crosses

that hardly differ in their vegetative characteristics. If this is not the case, competition between progenies with dissimilar development is likely to create bias in favour of the most vigorous palms, in which case border rows are needed. By using one or more controls, the results of a trial can be compared to those obtained elsewhere.

Characters sought

The current criteria for cloning are:

- high palm oil production obtained with both high bunch production and a high extraction rate;
- slow vertical growth and limited crown size.

Bunch production

In the progeny trials, bunch production is observed individually each harvesting round (around 3 times per month). The bunches produced are collected at the foot of the palm and placed with the detached fruits. The number and total weight are recorded. These data are then added together each month and recorded on computer. At the end of each annual season, yields and the number of bunches produced per palm are totaled.

Bunch quality

Each bunch is analyzed to assess the different fractions making it up, along with its oil content.

The process can be resumed as follows: bunch weighing; stripping and weighing of fruits, determination of the fruit/bunch percentage (F); weighing of a sample of 30 normal fruits; mesocarp removal, then weighing of the kernels in the sample to deduce the mesocarp weight and mesocarp content (M); oil extraction from a sample of mesocarp using solvent and determination of the oil content (O).

The industrial extraction rate is deduced, estimated by $OPI = 0.855 \times F \times M \times O$.

Until recently, the normal sampling procedure for bunch analysis in progeny tests was: analysis of 40 tenera per progeny at 5 years, then at 6 years.

Although such a sample is sufficient for estimating the mean value of the progeny, it cannot be used for early assessment of the value of all the palms for ortet choice. Nowadays, this is done by analyzing all the tenera.

From 6 years onwards, an additional set of analyses is carried out on the most promising palms; half of the palms of the 5 best crosses at 7 years, a quarter at 8 years and an eighth at

9 years. With this system, there is a sufficient number of analyses at 9 years to choose the potential individuals most suitable for cloning.

Vertical growth

Vertical growth is measured from the axil of leaf 33. A reliable evaluation of vertical growth requires two measurements: at 6 and 9 years.

Fusarium wilt tolerance

Fusarium wilt tolerance is also a very important character, especially for plantations in Africa. As it is impossible to know the tolerance of a given individual, clones have to be subsequently tested in the prenursery by artificial inoculation with the fungus.

Estimation of individual genetic value

For a given individual, only the phenotype is known. However, the true value of the resulting clone depends on its genotypic value. In order to acquire a more precise idea of this value, emphasis is placed first of all on that of the cross from which it came. In addition, an attempt is made to identify environmental factors likely to modify its production.

The value of crosses is conventionally estimated by an analysis of variance adapted to the statistical design of the trial.

However, it is rare for a field to be perfectly homogeneous. Variations in soil fertility in the field are reflected in differences between blocks and between elementary plots of the same cross. Taking raw individual data into account may lead to ortets being chosen preferentially from more fertile plots, and genotypes that are of interest but located in the least fertile zones may be overlooked.

Smoothing technique

An initial method has been proposed to eliminate bias due to fertility (Baudouin *et al.*, 1987). It is based on the theory of regionalized variables. If the observed difference between two values of a variable subjected to a regional effect (e.g. fertility gradient) at two points located a distance d apart is examined, this value can be considered as a random variable with null expectation and of variance $V(d)$. This distance function is called a semi-variogram of the regionalized variable.

The semi-variogram for oil production in a trial (AK-GP 03) is shown in figure 1. The different components of spatial variability in the trial can be seen:

- a random component (i.e. independent of the site), which corresponds to the original ordinate
- a regionalized component, denoting the existence of correlations between neighbours.

The data item for these two components can be used to estimate the mean value of the environmental effect at any point in the plot.

This value can be used to correct observed values and eliminate the effect of fertility fluctuations.

Combined selection according to index

The value of each individual can be broken down into 5 observed components by a tree-by-tree analysis of variance: the overall trial mean, an effect linked to the progeny to which an individual belongs, the effect of the block in which it is located, the effect of the plot in which it is located, and a residual effect due to the palm itself and to uncontrolled variations in the plot.

It is easy to predict the genetic value of each individual (see box) from these components.

There is therefore a simple method available for estimating the genetic value of a palm in a trial. This method effectively takes environmental fluctuations into account, though less finely than smoothing. Its advantage is that it can be used for a single classification of all the trees in a trial.

Application

To illustrate this last approach, we used it on a trial in the Côte-d'Ivoire. As not all the trees had been subjected to bunch analysis, 933 of the 1,500 palms in the trial were taken into account. All the elementary plots were represented, with unequal numbers of palms. An adapted analysis of variance procedure was used to take into account the slight imbalance introduced into the model. It was checked on other characters, particularly bunch production, that the mean squares calculated using 933 or 1,500 palms were virtually identical. The genetic design prevented direct estimation of broad sense heritability, but estimates obtained using clones gave a value of around 0.4. This value is compatible with the between-cross variance: within-cross variance ratio in the trial, assuming that a large proportion of oil production variability is due to dominance (Jacquemard *et al.*, 1982).

The analysis of variance table and index coefficients are given in table 1. The constant has been chosen so as to centre the index value on the trial mean. Thus, the index is also an estimation of the oil production potential of the clone that can be obtained from a given individual. A comparison between the phenotypic and genotypic values of the best 50 individuals in the trial based on the index is shown in figure 2.

Environmental effect

The palms chosen were distributed equally among the blocks, between 8 and 10 per block, except for the 6th, which only contained 4. This difference was not significant to the sense of X2. Insofar as the block effect was not significant, this was to be expected.

On the other hand, 7 of the palms chosen were in borders: they only had 5 neighbours. Of the

933 palms studied, 39 fell into this category (4.18%). The number of expected border palms among the chosen palms was therefore 2. This significant difference ($X^2 = 10.7$ at 1 DF) illustrates the considerable importance of plant development conditions. For the palms studied as a whole, the production of the border trees was 12.5% better than that of the others. This gain was due to the absence of a palm in the vicinity. If this position advantage is taken into account, all the border palms in this trial have to be discarded.

Cross effect

As might be expected, 33 of the trees chosen belonged to the best 6 crosses (Figure 3). Nevertheless, 10 others, i.e. 23%, belonged to less well classified crosses. In fact, the distribution of the chosen trees took into account both the mean and the variance of the crosses. This explains why crosses 6 and 20 were well represented in relation to their category. On the other hand, 5 and 7 were among the least variable and were under-represented.

The merit of clonal multiplication is to permit double selection pressure. Thus initially, marketing of the best 10 clones based on their estimated value could be considered, thereby achieving 12% progress compared to the mean of the best 5 crosses. At the same time, the other clones could be tested in the field and distributed after their inherent value has been verified.

Conclusion

An effective procedure for choosing clone ortets primarily depends on the use of an appropriate experimental design and reliable and supervised observations. An accurate assessment of the individual value of palms requires the use of appropriate techniques to assess environmental effects. In the most heterogeneous soils, a smoothing technique will doubtless be the most appropriate. When plots can be considered relatively homogeneous, drawing up a selection index offers several advantages: it is simple to draw up and it can be used to establish a single classification for all the palms in a trial, taking into account both the individual value, that of the family and of environmental effects that are detectable within an elementary plot. Moreover, such an approach is not incompatible with the multiple character selection recommended by Soh (1986).

The use of effective statistical techniques does not remove the need for a careful critical analysis of results. Thus, preference should be given to individuals whose production is both precocious and stable. Questions should be raised about the factors responsible for the good production of a given individual: is it a character with low heritability, such as the percentage of fruits per bunch, or can it be explained by neighbourhood effects? In this respect, vertical growth is an essential element. A palm that grows faster than its neighbours will probably be overestimated. On the other hand, a compact palm will possess a good assimilate to oil conversion factor and a long economic life span.

All these elements need to be taken into account when choosing ortets. Of course, the clones subsequently produced will be tested in field trials to ascertain their true value, which also makes it possible to check after the event that the methods used were sound.

Combined selection according to index

The observed value of an individual k belonging to progeny i , in block j and plot ij can be written as follows:

$$Y_{ijk} = \underset{\substack{\text{overall mean} \\ M}}{\quad} + \underset{\substack{\text{progeny effect} \\ D_i}}{\quad} + \underset{\substack{\text{block effect} \\ B_j}}{\quad} + \underset{\substack{\text{plot effect} \\ P_{ij}}}{\quad} + \underset{\substack{\text{residual effect} \\ R_{ijk}}}{\quad}$$

These 5 components are independent and of null expectancy, apart from mean.

Predicting the genetic value of an individual amounts to calculating the coefficients of regression between this value and the different components D , B , P and R . It has been shown (PURBA, 1992) that these coefficients are:

$$\begin{aligned} b_D &= (MS_D - MS_P + \sigma^2_H) / MS_D \\ b_B &= (\sigma^2_H) / MS_B \\ b_P &= (\sigma^2_H) / MS_P \\ b_R &= (\sigma^2_H) / MS_R \end{aligned}$$

where MS_D , MS_B , MS_P and MS_R are the mean squares of the analysis of variance, attached to each of the components hence σ^2_H is the within-cross genetic variance. This variance is estimated directly when the statistical design of the trial allows. If not, an independent estimation of broad sense heritability is used (note that $h^2_b = b_R$).